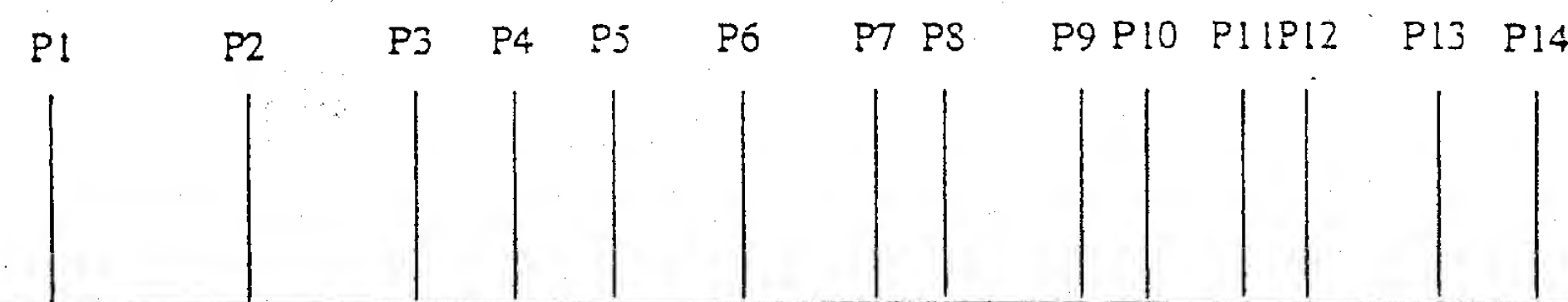
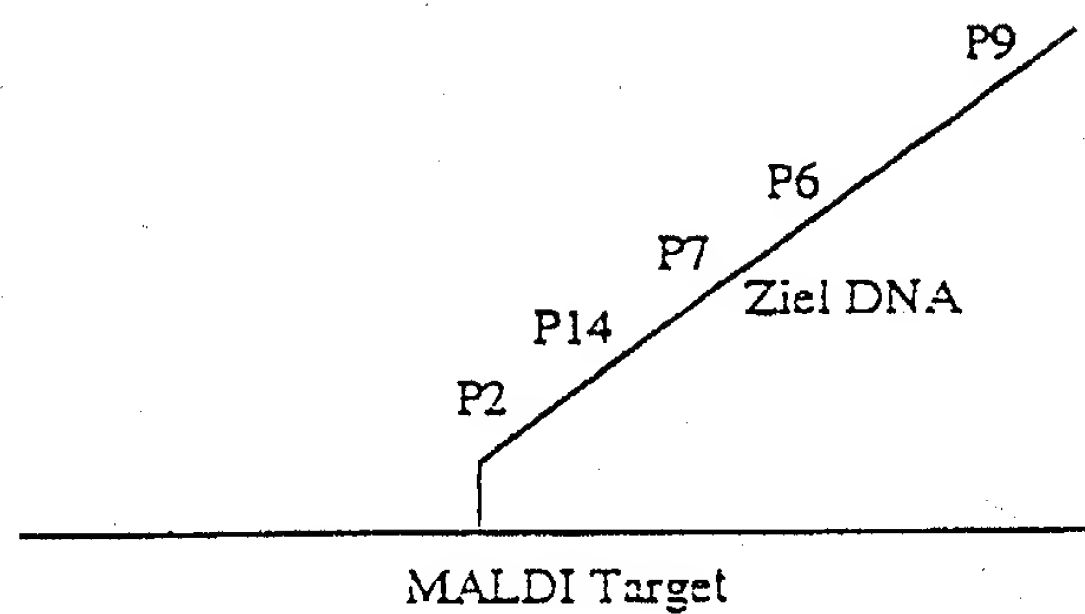


1/12

1) Massenverteilung der Proben



2) Hybridisierung



3) Massenverteilung hybridisierte Proben

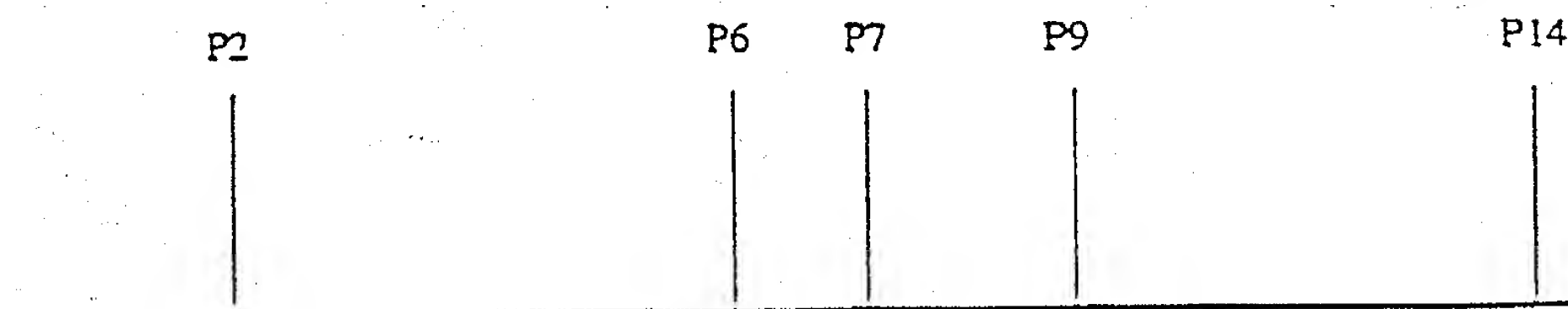


Fig. 1

2/12

Immobilisierung von DNA direkt auf dem MALDI-Target (Beispiel).

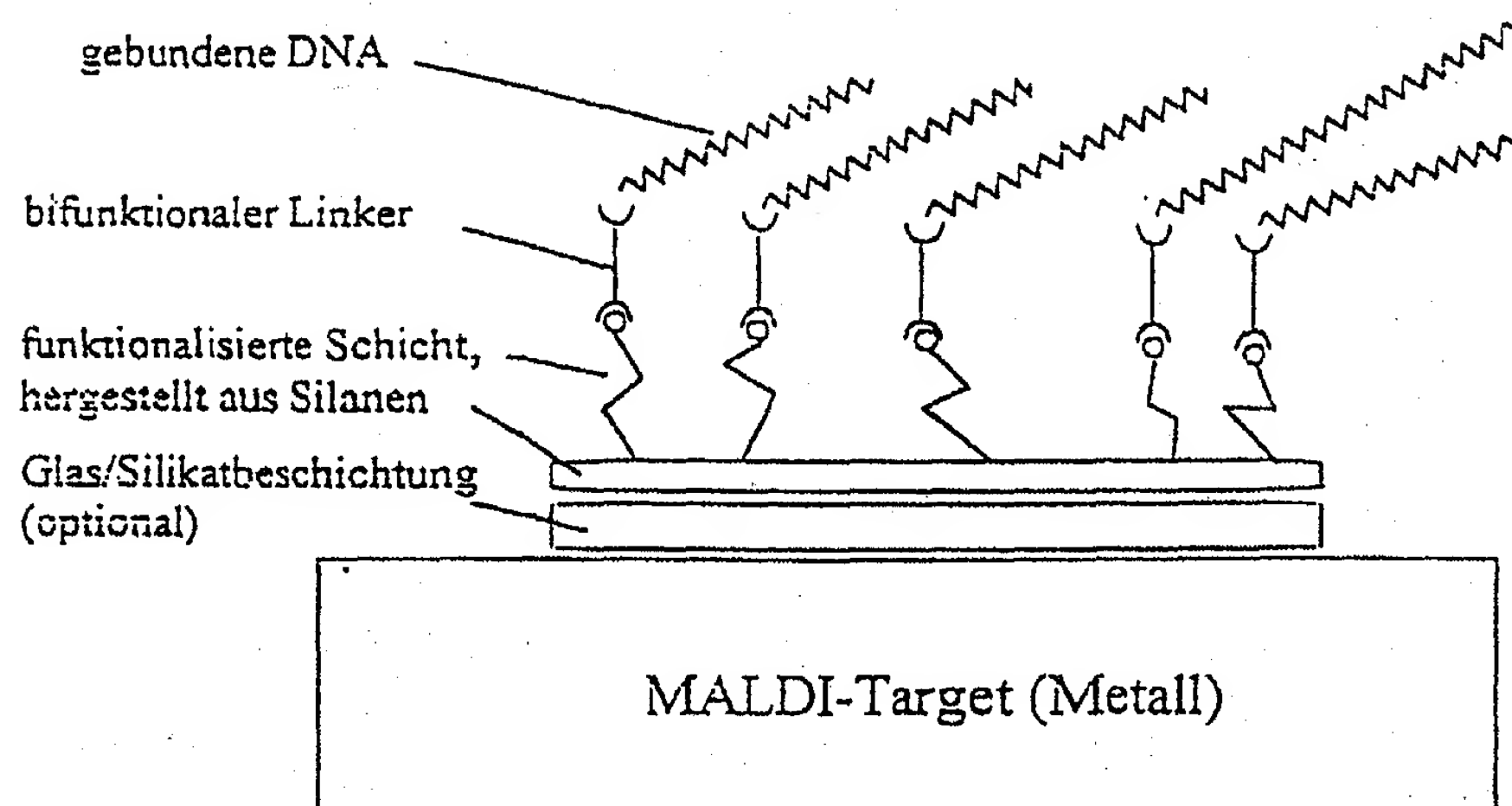
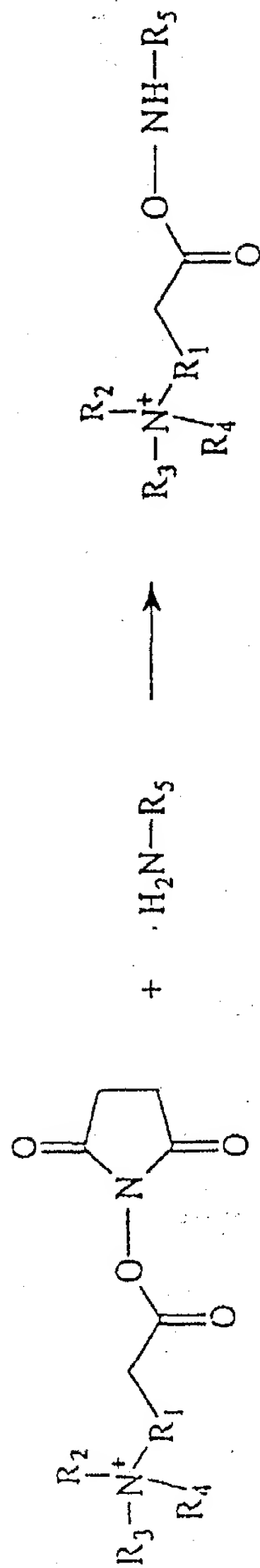


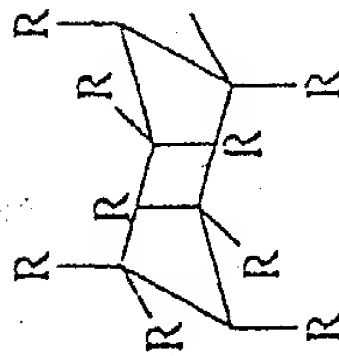
Fig. 2

N-terminales Massen/Charge Tagging

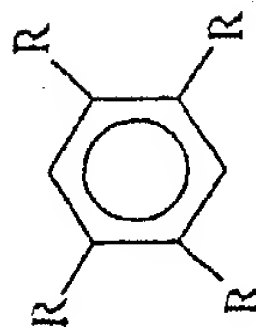
Fig. 3



R = z.B. alkyl, -CH₃, -C₂H₅, -C₃H₇, -C₄H₉ etc.



R₁ = z.B. (—)_n



R_{2,4} = z.B. alkyl, substituierendes alkyl

R₅ = z.B. Nukleinsäure, PNA, Methylphosphonatnukleinsäure, Phosphorothioatnukleinsäure

4/12

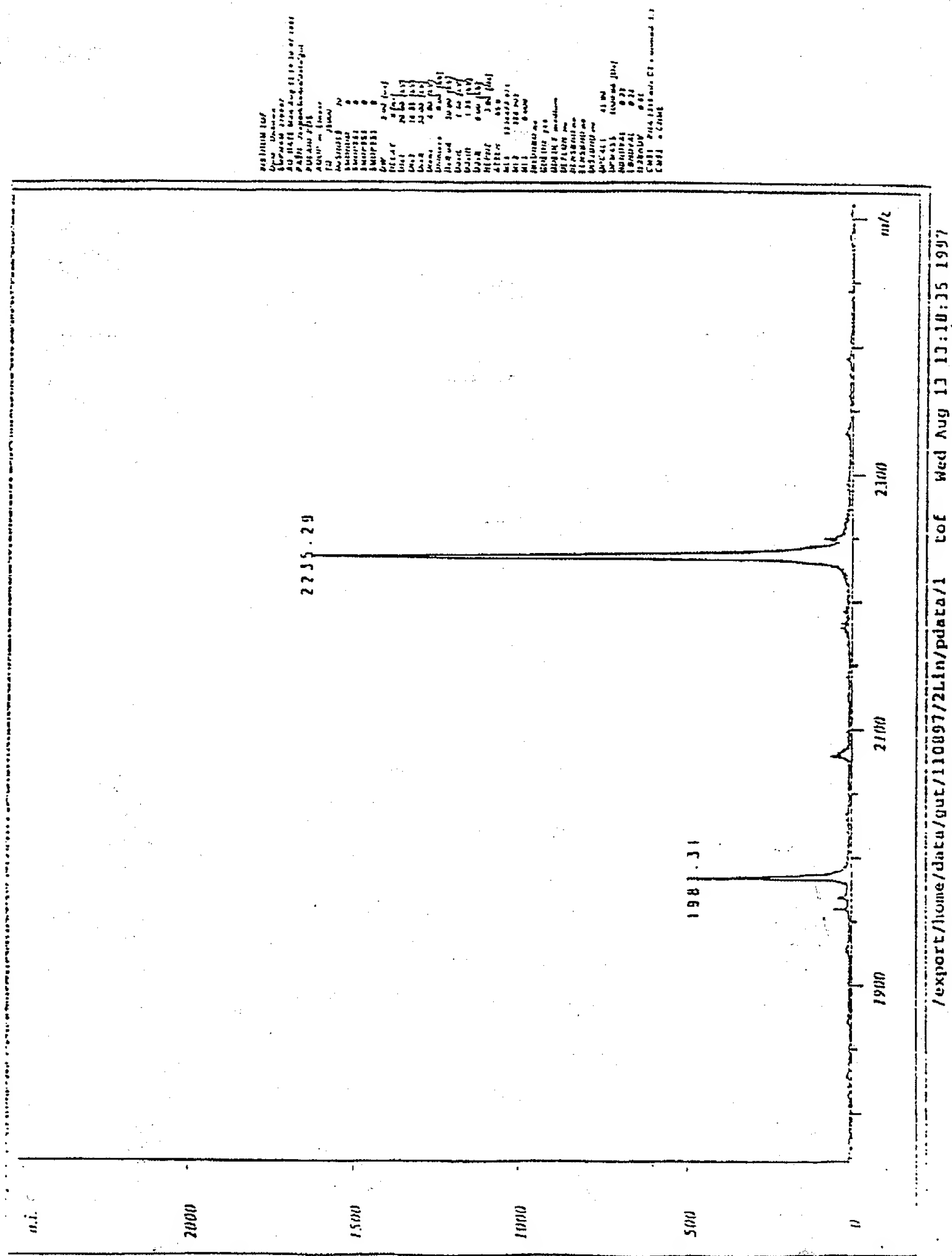


Fig. 4

5/12

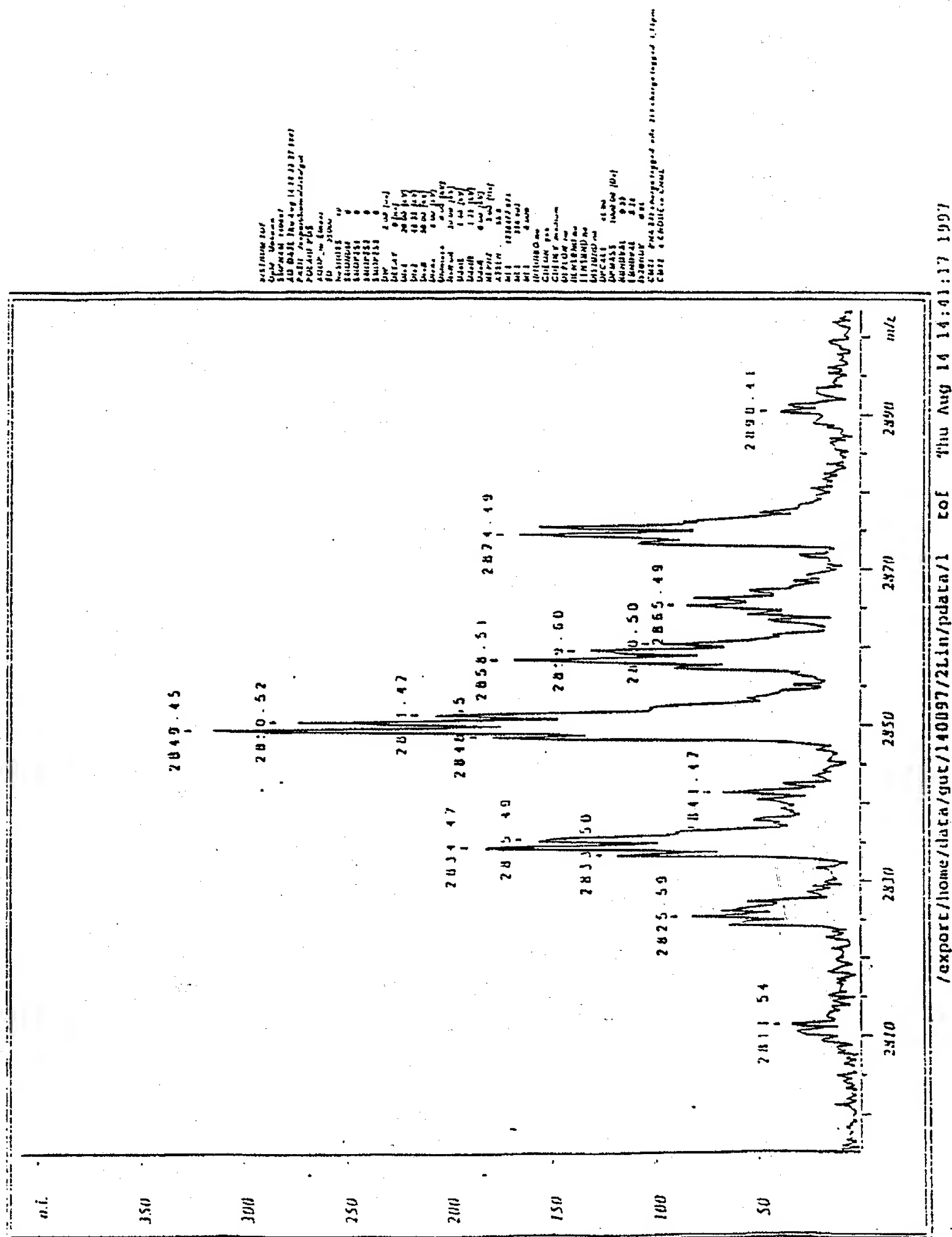


Fig. 5

6/12

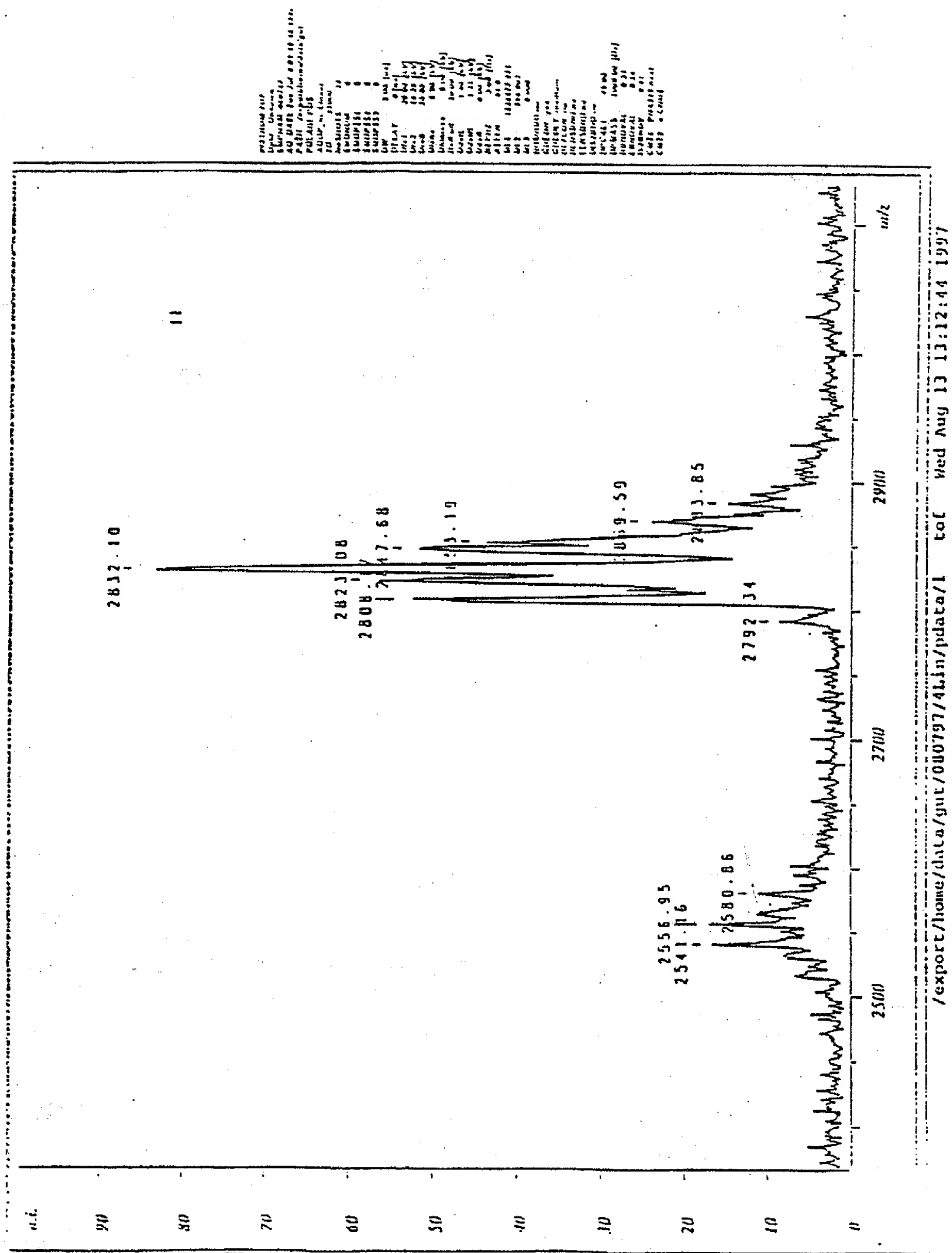
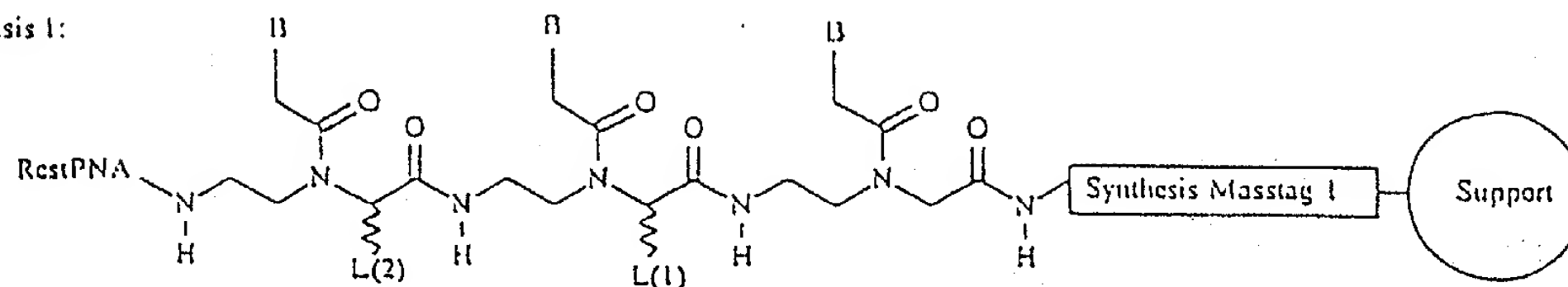


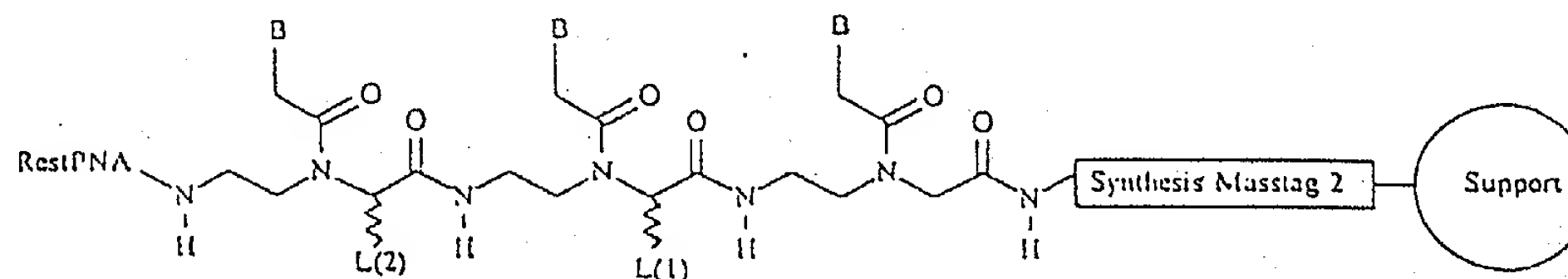
Fig. 6

7/12

Synthesis 1:



Synthesis 2:



...Synthesis n:



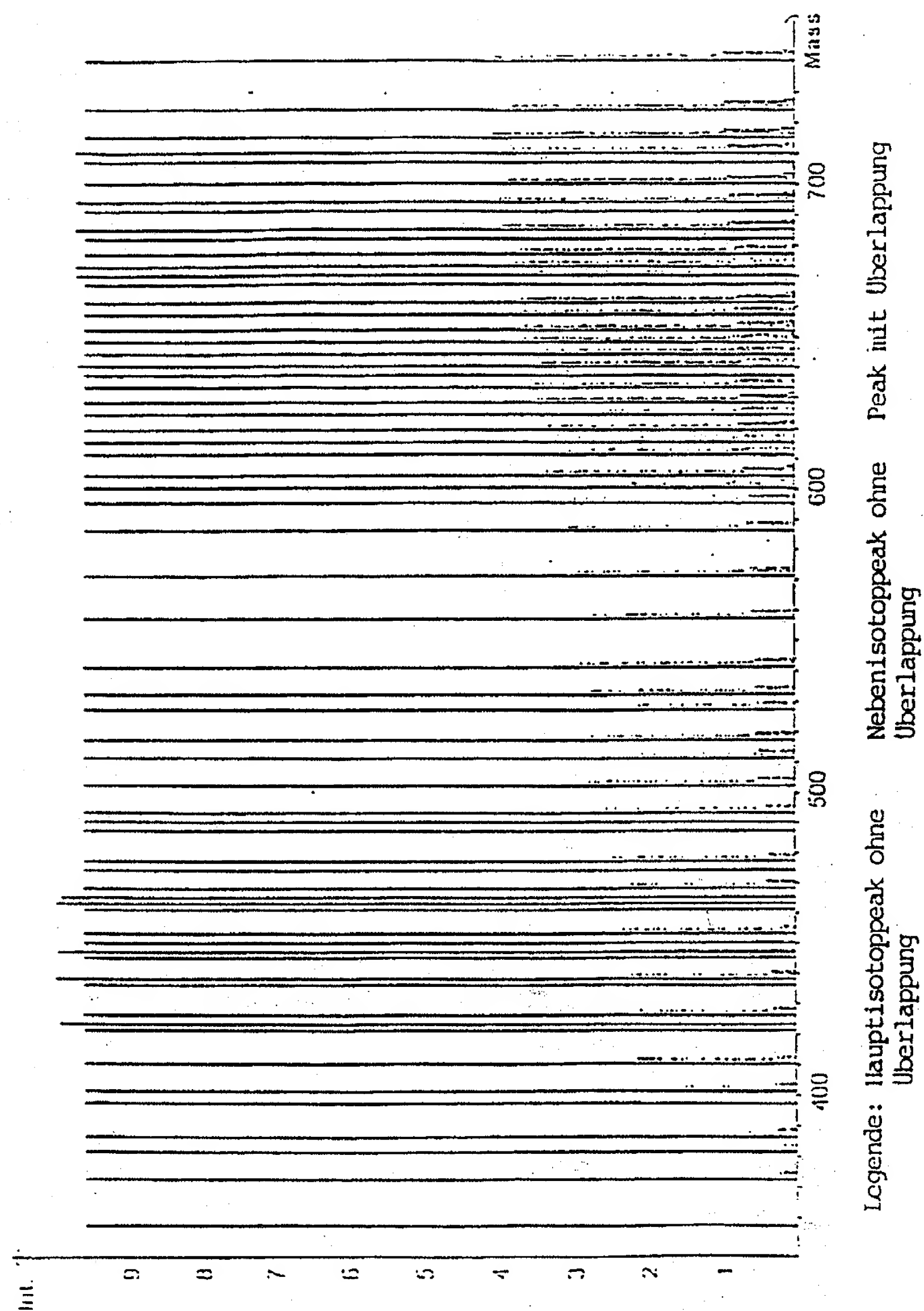
designte PNA-Bibliothek
mit Sequenz-spezifischen
Massen

B = Adenin, Cytosin, Guanin, Thymin oder Purin-oder Pyrimidinderivate oder deren Deazaanaloge

L(n) sind verschiedene Sets von Substituenten, spezifisch ausgewählt für jede Base, die in jedem Syntheseschritt eingesetzt wird, um minimierte Peak-Überlappungen in der MALDI-MS zu erhalten

Fig. 7

8/12



Legende: Hauptisotoppeak ohne Überlappung Nebenisotoppeak ohne Überlappung Peak mit Überlappung

64 Massenpeaks, die einer spezifischen PNA-Sequenz entsprechen;
Massentagging

Fig. 8

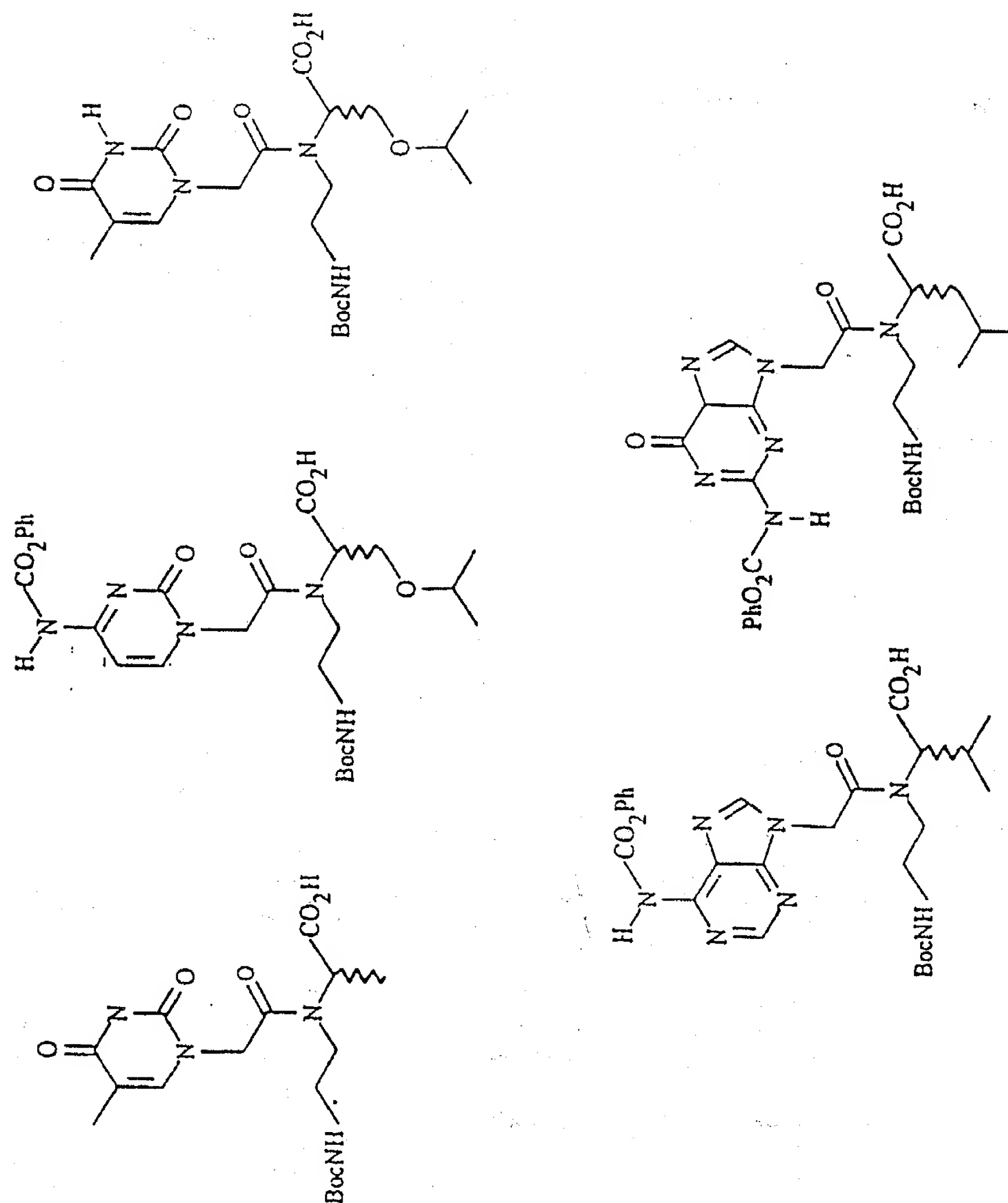


Fig. 9

10/12

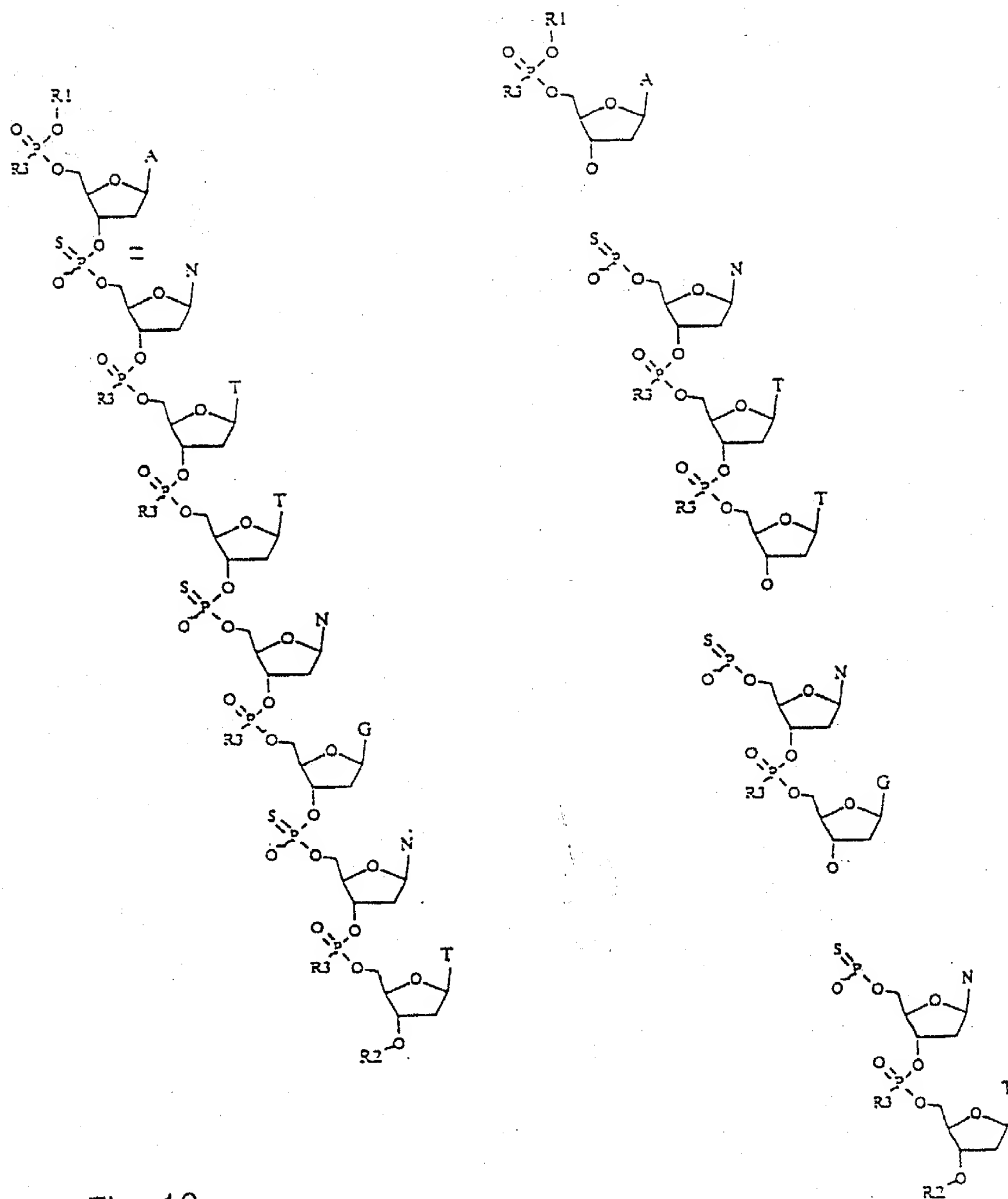
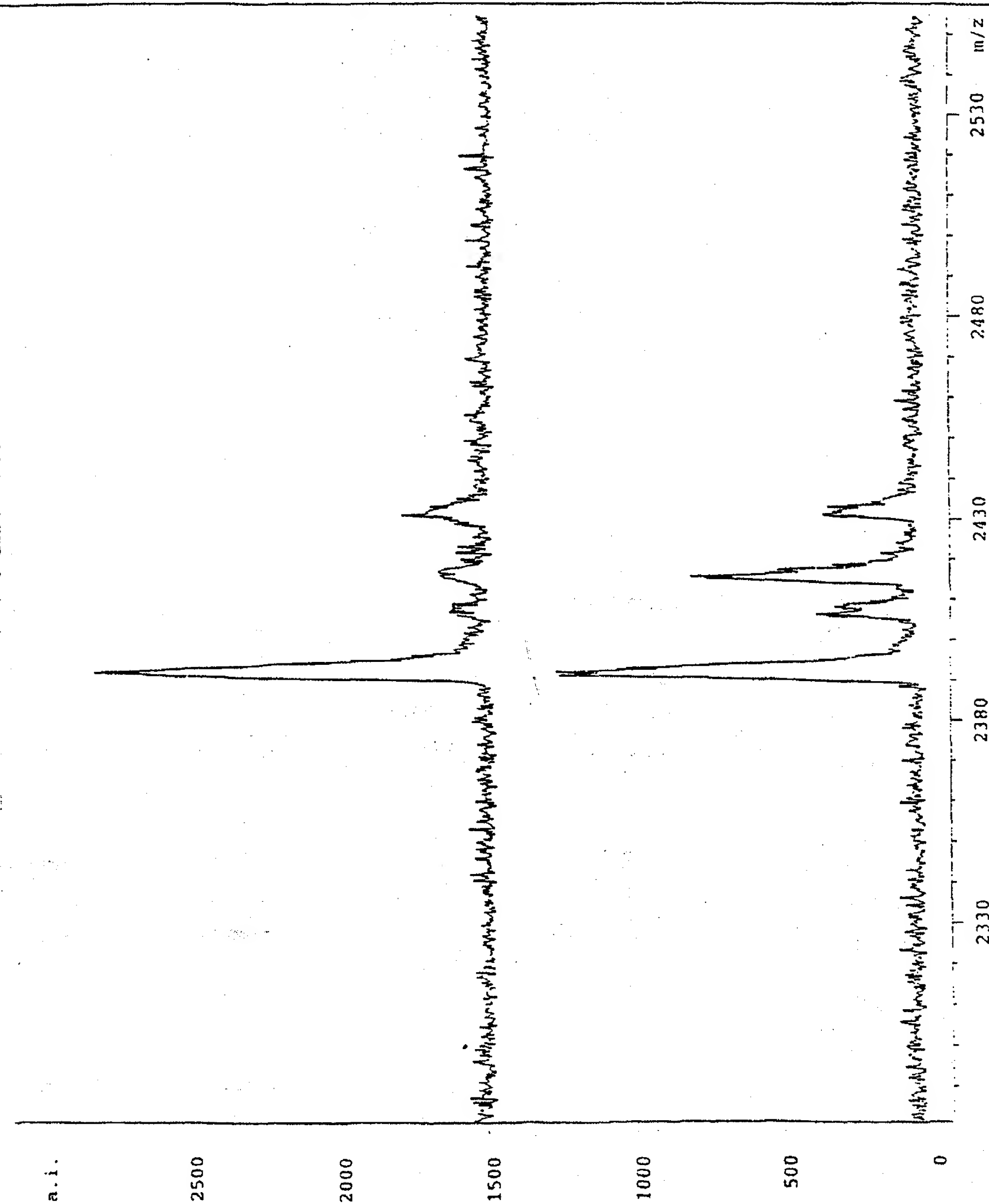


Fig. 10

11/12

[illegible]

Figur 11



```

/export/home/data/ramon/041198/1Lin/pdata/1  tof  Wed Dec 2 11:11:58 1998

```

Figur 12

12/12

